

Mikael Falconnet

Autour de modèles d'évolution de séquences d'ADN avec influence du voisinage et/ou translocations.

Résumé : Dans la première partie de l'exposé, j'introduirai une classe de modèles d'évolution de séquences d'ADN étudiée par Bérard, Gouéré et Piau, et qui prend en compte l'effet de la méthylation des dinucléotides CpG dans le génome. Ensuite, j'expliquerai comment il est possible de fournir un estimateur du temps écoulé entre deux séquences homologues ayant évolué sous ce modèle, ainsi qu'un intervalle de confiance asymptotique. Enfin, je terminerai en exposant la construction d'un modèle d'évolution de séquences d'ADN qui prend en compte des possibilités de translocations, en énonçant les résultats que nous avons actuellement avec Nina Gantert et Ellen Saada sur l'ergodicité du modèle et ceux que nous aimerions avoir.